Figure 1.

l	GTCTAAGAACCTTAAGGAGAAAGAGATTAAGAGGCAGACATTGCTTGAGCTTGTTGATTA
51	TGTTGCATCAGTTGGTTTTAAGTTTAACGATGTTTCGATGCAAGAGTTAACGAAGATGGT
121	AGCGGTTAATCTGTTTAGAACTTTTCCTTCTGCGAATCACGAGAGTAAAATTCTTGAAAT
181	ACATGATATGGATGAAGAACCTTCTTTGGAGCCAGCTTGGCCTCATGTTCAAGTTGT
241	GTATGAGATTCTCCAGATTCGTGGCTTCTCCCATGACTGATGCAAAGCTTGCCAAGAG
301	ATATATTGACCATTCTTTTGTCTTGAAGCTCTTAGACTTGTTTGATTCTGAAGATCAAAG
361	AGAGAGGGAATATCTAAAAACTATTCTGCATCGGGTGTACGGGAAGTTCATGGTGCATCG
21	ACCTTACATCAGAAAGGCGATAAACAATATCTTCTACAGATTCATATCCGAGACTGAAAA
81	GCATAATGGCATTGCGGAGTTGCTAGAGATTCTTGGAAGTATAATTAAT
541	GCCTTTAAAAGAAGAGCACAAGCTCTTCCTTTTGCGAGCCTTGATTCCTCTCCACAAGCC
501	TAAATGTTCATCAGTCTATCACCAACAGCTTTCGTATTGCATTGTTCAGTTTGTAGAAAA
61	GGACTTCAAGCTCGCTGATACCGTTATTAGAGGTCTTTTAAAATATTGGCCTGTGACTAA
21	CAGCTCAAAGGAAGTTATGTTTCTTGGAGAGTTAGAAGAAGTCTTGGAAGCAACTCAAGC
81	CGCTGAGTTTCAACGTTGTATGGTTCCATTATCCCGACAAATTGCTCGATGCCTCAACAG
841	TTCACATTTCCAGGTTCGAGTCTTTGACTATCATCACAACTTCATATCTATC
01	TAAAGTCTTGTACCTATATATGAAGTTGTACTTTTTTTTT
61	TTGTTTCTATGGAACAACGATCACATAAGAAACCTGATCACTCAGAACCATAAAGTGATA
021	ATGCCTATAGTCTTCCCAGCTCTTGAGAGAAACACGCGTGGACATTGGAACCAAGCAGTT
081	CAAAGTCTGACTATAAACGTGAGGAAAGTATTATGCGAGATTGACCAAGTTCTTTTCGAC
141	GAGTGTTTAGCCAAATTCCAAGTAGAAGAAGTGAATAAAACAGAGGTTAAAGCGAAACGG
201	GAAAGGACATGGCAACGGTTAGAAGATTTAGCTACTTCAAAGACCGTTGTAACCAACGAG
261	GCAGTACTGGTTCCAAGATTTGTGTCCTCAGTCAATCTTACTACAAGCAGCTCTGAGTCC
321	${\tt ACAGGGTCGTAGGTTACTATGTACTTGTAACAAATATTTGTGGTCAC}$
381	${\tt TATAGAAATGGTTCTTGAGAGACGACTGTATAATTATTTTTTAAATTATAATCTTTTGG}$
441	$\tt GTCAAATTGAGAATATTTGATATTATTTTACTGAATTATAAAACGCCGTTAAAACTCT$
501	${\tt CGTTAGTTAACGGCTGACTCTGAAGTGAAAACTGAAAAGTCGAAGGGTCTCTTTATATTT}$
561	TCAGAATCAAAATCTGAAATTTATCTCTCGGTCGATCCAGTCTTCGTGAGTGA
621	GACGACGAGGAGTCACACTACTCTTGAGCTTCTCATACTTCGTAAGTTCACTCTCTTT
681	CTCTAAATTGACAAACTTTTCTTCGTTTTCTGCTATTATTGACGACGAGACTTGATTTT

	was a second of the second of	
1741	GTTTTGAAATGAAATGGTTCAAGTAGCTGACTTCGACTATGTTCTTTTGGGTTTTTGTCA	
1801	. TTGAATCTTACTTGTCTGATTTGGTCGATGTTTAATCAATTCAACACTTAAAGATTCAAT	ı
1861	TTTTGGATTGACACTTGCACATTTTTATTCAGACCCAGGTTGATTTGGGAAATAATGGAT M D	2
1921	GAATCTCTGGAGCATCAAACTCAAACACATGGTAAGTAAATTTTCATAGATTTAATCTCT E S L E H Q T Q T H D	13
1981	CTGAATACATATATGACTTCAATATGTTTGATTGGAGTTTTTTTT	
2041	AATTGGATGCTTTGTTAAAGGATAAATGTCTATCAAATTATGTTGACTGCGTTATTCTTT	
2101	CTAAATCATATTGTGAATCTTGGAACAAAGCATGTATACAACAAATTTGTTAGACTTAAT	
2161	AACTCCTTTTCTGTTTAAGAATTGAGAATGACTATTGGGGTTGACTAATGCATCTTT	
2221	TGTGGCTCCAGACCAAGAGAGCGAAATAGTTACTGAAGGAAG	29
2281	GCCATCTCAAGAGGGTAATGTTCCTCCTAAAGTTGATAGTGAAGCTGAGGTCTTGGATGA PSQEGNVPPKVDSEAEVLDE	49
2341	GAAAGTCAGTAAGCAGATTATAAAGGAAGGTCACGGTTCCAAACCATCCAAGTACTCTAC K V S K Q I I K E G H G S K P S K Y S T	69
2401	ATGCTTTTGTAAGTACCCTTTAGCTTTCTGTTGATTGGATGTTGATTTTCGATTGCACT C F L	72
2461	TGTTGGCCTATTGCTACTGTTTATTTGAATCTTTCTATCTGACCAATTTCATATTGGCCA	
2521	TAGTGCACTACAGGGCATGGACCAAAAACTCGCAGCACAAATTTGAGGATACATGGCATG H Y R A W T K N S Q H K F E D T W H E	91
2581	AGCAGCAACCTATTGAATTGGTTCTTGGAAAAGGTATGTGGCTGTCGAATATGTACTCTA Q Q P I E L V L G K E	102
2641	CACCTCCATTTCGTTAGATGAATCGTCATTGGTAAATTTGATGAGTTAGCTTGTGTATTA	
2701	TATGAACCCAATGAGATGGATATTTGGGAGGAAAAAAGATTGAGTTTTGTATTTTTT	:
2761	CTTCAATGCTGATTAGCCCATTTTAACGTCACTATACAATTTTTTTT	
2821	TGCACTAAGAGTGAAATGTTGTCTGTGAGACAGAGAAAAAGAACTAGCCGGTTTAGCCA K K E L A G L A I	
2881	TCGGTGTTGCTAGCATGAAGTCTGGTGAACGTGCGCTTGTGCATGTTGGCTGGGAATTAG G V A S M K S G E R A L V H V G W E L A	
2941	CTTATGGGAAAGAAGGAAACTTTTCTTTTCCCAATGTTCCACCTATGGCAGACTTGTTAT Y G K E G N F S F P N V P P M A D L L Y	
3001	ATGAGGTGGAAGTTATTGGGTTTGATGAAACAAAGGAGGTAAGTTATTTCCTATACCATC	

3061	1 ATCTTGTTTCCTTACCAAGACGACTCCACATCCAAGCTTTATCCCAACCTCCTTGCTTA	.C							
3121	1 CTCTCTGACTTAGATGATGTATTGAACAGGGAAAAGCTCGCAGTGATATGACTGTAGAG ${ m G}$ K A R S D M T V E	G E 174							
3181	l AAAGGATTGGTGCAGCAGACAGAAGAAAAATGGATGGGAATTCTCTTTTTAAGGAGGAG R I G A A D R R K M D G N S L F K E E	A K 194							
3241	L AACTGGAGGAAGCCATGCAACAGTATGAAATGGTTATGCATCTCTCTC	C 204							
3301	L TCTTTCCAACAATTACGGTCAAAGTTTAGGTTTTCAGGCATACTTAGTGAGTCTGCTCG	A							
3361	L GGCTCTTGTGTCTTCTTTCGGCTTTTGATTAGTCATGGTTTTGCTGTTTCAGGCCATAG ${f A}$ ${f I}$ ${f Y}$								
3421	ATACATGGGGACGATTTTATGTTTCAGCTGTATGGGAAGTACCAGGATATGGCTTTAG Y M G D D F M F Q L Y G K Y Q D M A L A	_							
3481	AGTTAAAAACCCATGCCATCTTAACATAGCAGCTTGCCTCATCAAACTAAAACGATACG V K N P C H L N I A A C L I K L K R Y D								
3541	TGAAGCAATTGGTCACTGCAACATTGTAAGACTCATCAAACCATTCATT	C 255							
3601	ATTAAAGTTCATACTCGGTTTCTCGAAATCTAATCAAACTCAAAACCTTATCAGGTGTT V L								
3661	ACAGAAGAAGAAAAACCCAAAAGCACTGTTCAGAAGAGGGAAAGCAAAGGCAGAGCT T E E E K N P K A L F R R G K A K A E L								
3721	GGACAGATGGACTCAGCACGTGATGATTTCCGAAAGGCACAAAAGTATGCTCCTGACGAGG Q M D S A R D D F R K A Q K Y A P D D	_							
3781	AAGGCGATTAGAAGAGGCTACGAGCACTTGCAGAGCAAGAGAAAGCCTTGTACCAAAAGKA IRRELRA LA EQEKA LYQK								
3841	CAGAAAGAAATGTACAAAGGAATATTCAAAGGGAAAGATGAAGGTGGTGCTAAGTCAAAC Q K E M Y K G I F K G K D E G G A K S K								
3901	AGCCTTTTTTGGTTGATAGTGTTATGGCAATGGTTTGTTT								
3961	CGACGCCACAGAGTTAAAGCAGATTAATGTATGAAGAAGGGTTACAATTA R R H R V K A D *	365							
351	SLFSRIFRRH RVKAD								

Figure 2.

TTP	1 M	AEVEEEQ	OLONSSVI		EIIAEG!		ELPODD	AGPPKVDSE	VE 50
TWD	1.	MDESL		DQES1	EIVTEGS	SAVVHS	EPSOEG	NVPPKVDSE	AE 45
TTP	51 V	LHEKVTK	QIVKEGH	GOKPSKI	YATCEVE	HYRAWA	ESTOHK	FEDTWREOC	PL 100
TWD	46 V	LDEKVSK	QIIKEGH	gskpsk:	YSTCFL	YRAWT	KNSOHK	ředtwhedd	PI 95
TTP	101 E		KEMTGLA	IGVNSMI	KSGERAI	LFHVGW	ELAYGK	EGNESEPNV	PP 150
TWD	96 E	LVLGKEK	KELAGLA	IGVASM	KSGERAJ	LvHvGw	ĖLAYGK	EGNESEPNV	PP 145
TTP		DVLYEVE		GEGKAR	GDMTVE	ERIGTA	DRRKMD	GNALFKEER	T 200
TWD	146 MA	DLLYEVE	VIGFDET	KEGKAR	SOMTVE	ERIGAA		GNSLFKEER	t 195
TTP .	201 EE	amooyem	AIAYMGD	DEMEQL	FGKFRDI	MALAVK	NPCHLN	MAACLLKLC	R 250
TWD	196 EE	AMQQYEM	AIAYMGD	DEMEOT.	YGKYQDI	MALRVX	NPCHLN	: : : IAACLIKLF	R 245
TTP	251 YD	EAIAQCS	IVLAEEE	NNVKAL	FRRGKA	RSILGO	TDAARE	DFLKARKL	300
TWD	246 YD	EAIGHCN	IVLTEEE	KNPKAL	FRRGKA	KAELGO	MOSARD	DERKAQKY	295
TTP	301 QD	KAITREL			• • • • •	- • • • • •	• • • • • •	• • • • • • •	320
TWD	296 DD	 KAIRREL	; RALAEQE	: KALYQK	QKEMYK	GIFKGK	DEGGAK	SKSLFWLI	/L 345

Figure 3.

```
TWD 196 EEAMQQYEMAIAYMGDDFMFQLFGKYRDMALAVKNPCHLNMAACLIKLKR 50

TWD 196 EEAMQQYEMAIAYMGDDFMFQLYGKYQDMALRVKNPCHLNIAACLIKLKR 245

ZmTWD 51 FDEAIAQCSİVLTEDESNVKALFRGKAKSELGQTESAREDFLKAKKYSP 100

TWD 246 YDEAIGHCNIVLTEEEKNPKALFRGKAKAELGQMDSARDDFRKAQKYAP 295

ZmTWD 101 EXKEIIRELRLLAEQXKALYQKQKELYKGLFGPSPE.AKPKKAKYLVVF 148

TWD 296 DDKAIRRELRALAEQEKALYQKQKEMYKGIFKGKDEGGAKSKSLFWLIVL 345

ZmTWD 149 WQWLVSFILYLAGMFKRKNE 168

TWD 346 WQWFVSLFSRIFRRHRVKAD 365
```